Práctica 1 Aprendizaje Automático

Antonio Álvarez Caballero

Generación y visualización de datos

Ejercicio 1

En primer lugar, creamos una función que crea un data. frame con valores aleatorios según una distribución uniforme. N es el número de filas del data. frame, dim el número de columnas y rango el rango donde estarán los valores.

```
simula_unif <- function(N, dim, rango){
  res <- data.frame(matrix(nrow = N, ncol = dim))

for(i in 1:N){
   res[i,] <- runif(dim, rango[1], rango[length(rango)])
  }

names(res) <- c("X", "Y")

return(res)
}</pre>
```

Ejercicio 2

Del mismo modo creamos una función análoga para la distribución normal o gaussiana.

```
simula_gauss <- function(N, dim, sigma){
  res <- data.frame(matrix(nrow = N, ncol = dim))

for(i in 1:N){
   res[i,] <- rnorm(dim, sd = sqrt(sigma))
}

names(res) <- c("X", "Y")

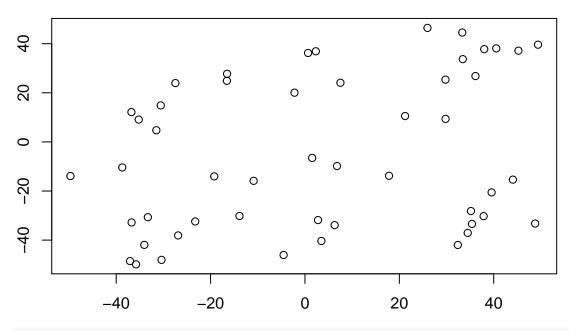
return(res)
}</pre>
```

Ejercicios 3 y 4

Ahora asignamos los resultados a sendos objetos del tipo data.frame y las dibujamos.

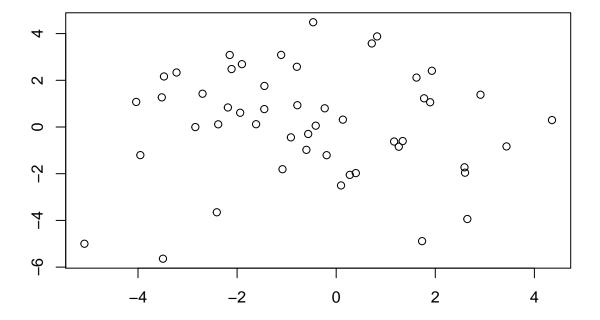
```
muestra.uniforme <- simula_unif(50, 2, -50:50)
muestra.gaussiana <- simula_gauss(50, 2, 5:7)</pre>
```

Distribución uniforme



plot(muestra.gaussiana, main = "Distribución normal", xlab = "", ylab = "")

Distribución normal



Ahora escribimos una pequeña función para calular una recta dados dos puntos. Daremos la recta con la ecuación punto pendiente, por lo que tenemos que calcular la pendiente y la desviación.

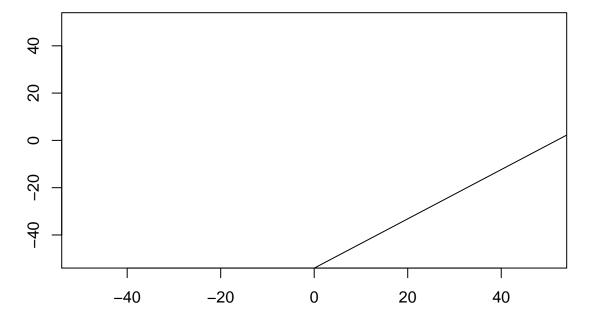
```
simulaRecta <- function(intervalo){
    A <- runif(2, intervalo[1], intervalo[length(intervalo)])
    B <- runif(2, intervalo[1], intervalo[length(intervalo)])

m <- (A[2] - B[2]) / (A[1] - B[1])
    b <- A[2] - m * A[1]

return(c(b,m))
}</pre>
```

Generamos una recta aleatoria en [-50, 50]

```
rectaPrueba <- simulaRecta(-50:50)
plot(1, type="n", xlab="", ylab="", xlim=c(-50, 50), ylim=c(-50, 50))
abline(coef = rectaPrueba)</pre>
```



Ahora clasificamos los datos de la muestra uniforme según otra recta aleatoria. Guardamos las muestras clasificadas para próximos ejercicios.

```
rectaClasificacion <- simulaRecta(-50:50)

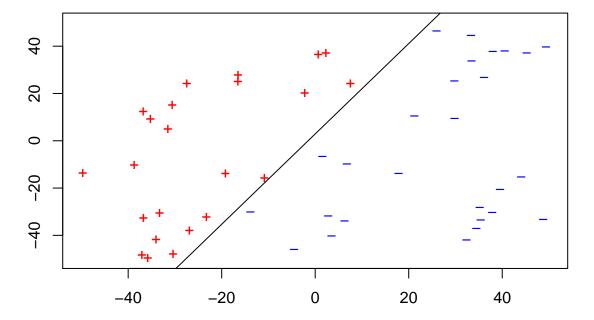
plot(1, type = "n", xlab = "", ylab = "", xlim = c(-50, 50), ylim = c(-50, 50))

muestra.uniforme.positiva <- subset(muestra.uniforme, Y - rectaClasificacion[2] *
    X - rectaClasificacion[1] > 0)

muestra.uniforme.negativa <- subset(muestra.uniforme, Y - rectaClasificacion[2] *
    X - rectaClasificacion[1] <= 0)

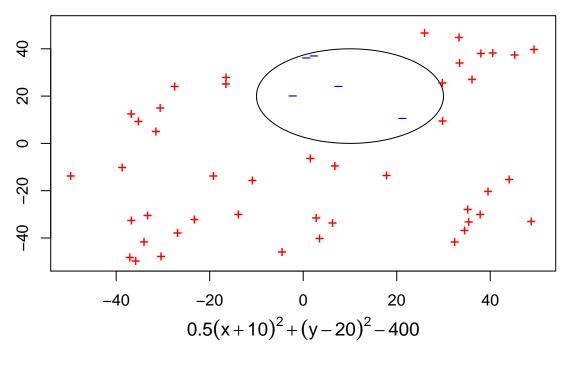
points(muestra.uniforme.positiva, pch = "+", col = "red")
points(muestra.uniforme.negativa, pch = "-", col = "blue")

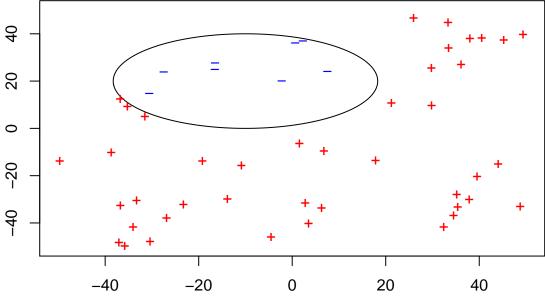
abline(coef = rectaClasificacion)</pre>
```

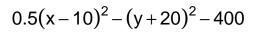


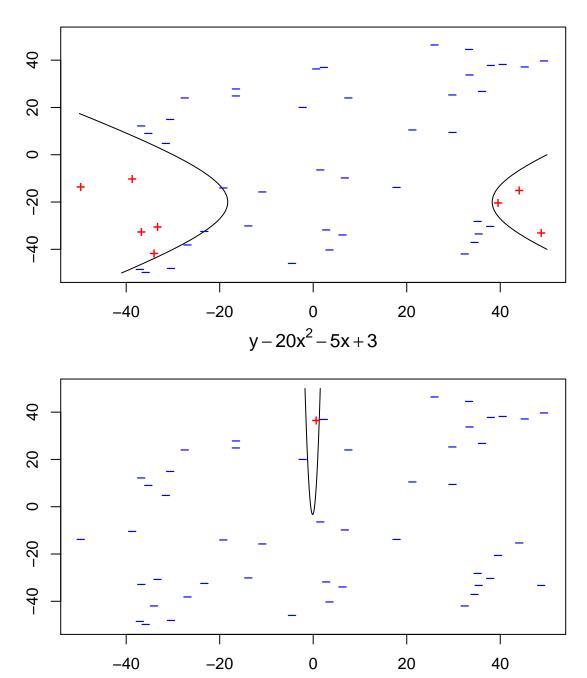
Una vez hemos clasificado los datos con una recta, clasificamos con otro tipo de funciones.

$$(x-10)^2+(y-20)^2-400$$







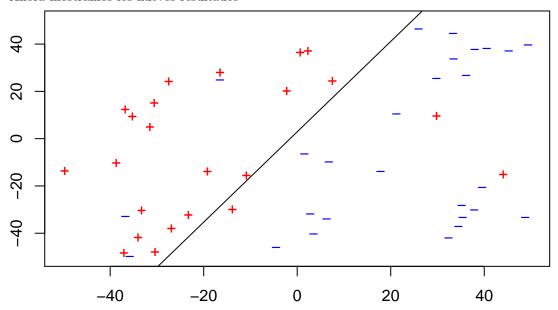


Añadir aquí conclusiones de las regiones nuevas comparadas con la lineal.

Tomamos la muestra clasificada y creamos un vector de booleanos con el 10% TRUE y el restante FALSE. Así luego extraeremos una porción de la muestra.

```
# Tomamos la porción deseada
porcion <- 10
numero.datos.positivos <- ceiling(nrow(muestra.uniforme.positiva) * porcion/100)
numero.datos.negativos <- ceiling(nrow(muestra.uniforme.negativa) * porcion/100)
vector.aleatorio.muestras.positivas <- c(rep(FALSE, numero.datos.positivos),
   rep(TRUE, nrow(muestra.uniforme.positiva) - numero.datos.positivos))
vector.aleatorio.muestras.negativas <- c(rep(FALSE, numero.datos.negativos),
    rep(TRUE, nrow(muestra.uniforme.negativa) - numero.datos.negativos))
vector.aleatorio.muestras.positivas <- sample(vector.aleatorio.muestras.positivas)</pre>
vector.aleatorio.muestras.negativas <- sample(vector.aleatorio.muestras.negativas)</pre>
muestra.uniforme.positiva.nueva <- muestra.uniforme.positiva[vector.aleatorio.muestras.positivas,
muestra.uniforme.negativa.nueva <- muestra.uniforme.negativa[vector.aleatorio.muestras.negativas,</pre>
muestra.uniforme.positiva.nueva <- rbind(muestra.uniforme.positiva.nueva,
    muestra.uniforme.negativa[!vector.aleatorio.muestras.negativas, ])
muestra.uniforme.negativa.nueva <- rbind(muestra.uniforme.negativa.nueva,</pre>
   muestra.uniforme.positiva[!vector.aleatorio.muestras.positivas, ])
```

Ahora mostramos los nuevos resultados



Ajuste del algoritmo Perceptron (PLA)

Ejercicio 1

Vamos a escribir una función que implemente el algoritmo *Perceptron* o *PLA*. *Datos* es un *data.frame* con cada muestra por fila, *label* el vector de etiquetas, el cual debe tener la misma longitud que los datos de muestra, *max_iter* es el número máximo de iteraciones del algoritmo y *vini* es el vector inicial, que debe tener la misma dimensión que los datos.

```
ajusta_PLA <- function(datos, label, max_iter, vini){</pre>
  cambio <- TRUE
  w <- vini
  iteraciones <- 0
  while (cambio && iteraciones < max_iter){
    cambio <- FALSE
    for (i in 1:nrow(datos)){
      x_i <- c(1,as.numeric(datos[i,]))</pre>
      prodEscalar <- sum(t(w) * x_i)</pre>
      if (sign(prodEscalar) != label[i]){
        cambio <- TRUE
        w \leftarrow w + label[i] * x_i
        break
      }
    }
    iteraciones <- iteraciones + 1
  print(cambio)
  resultado <- list("pesos" = w, "iteraciones" = iteraciones)
  return (resultado)
```

Ejercicio 2

Vamos a hacer una simulación de prueba. Tomamos los datos de la muestra uniforme y un vector de etiquetas aleatorio.

```
## [1] TRUE
```

```
w <- resultado$pesos
iteraciones <- resultado$iteraciones
print(w)</pre>
```

```
## [1] 1374.000000   -5.460548   -23.891026
```

print(iteraciones)

[1] 20000

```
plot(1, type="n", xlab="", ylab="", xlim=c(-50, 50), ylim=c(-50, 50))
abline(coef = c(-w[1]/w[3], w[2]/w[3]))
points(subset(muestra.uniforme.etiquetada, etiqueta == -1), pch = "-", col = "blue")
points(subset(muestra.uniforme.etiquetada, etiqueta == 1), pch = "+", col = "red")
```

